PERSPECTIVAS DE APLICAÇÃO HISTÓRICA
DOS MARCADORES GENÉTICOS UNI- E BIPARENTAIS.
ALGUNS EXEMPLOS DO NORTE DE PORTUGAL
NO CONTEXTO IBÉRICO

António Amorim

IPATIMUP (Instituto de Patologia e Imunologia Molecular da
Universidade do Porto) e Faculdade de Ciências da Universidade do Porto

Num encontro em que se pretende reunir competências de várias áreas do saber, todos seremos simultaneamente especialistas (em alguma delas) e leigos (em muitas). Deixem-me começar por fazer algumas

CONFISSÕES DE LEIGO

Várias vezes tropeço em textos da área de história que me suscitam muitas dúvidas; um deles é o seguinte, extraído da *Crónica de Idácio* (456 d.C., Braga) e citado por Lourido *et al.* (1997, p. 112):

Toda a poboación de ambos sexos cos nenos é expulsada dos santos lugares onde se refuxiara. Os lugares sagrados son ocupados con cabalos, gando e camellos, ¡horror! [sublinhado meu]

Não sei se houve erro de copista, ou se a palavra mudou de significado desde essa época, mas se assim não for, é-me muito estranho que os suevos se horrorizem com os camelos trazidos pelos visigodos. Como é possível que estes bárbaros europeus trouxessem consigo estes animais?

Outras afirmações deixam-me muitas reservas; por exemplo, os mesmos autores afirmam (p. 127) que os

(...) musulmans, quizaís no ano 716 (...) [terão chegado à Galiza]. Nada se pode afirmar acerca da sua intenção de estabelecer grupos poboadores, mais crese que unha cantidade indeterminada de bereberes chegaron a asentarse nalgũa zona.

De todas as maneiras (...), xa no 740 o país foi abandonado e os ocupantes islâmicos recuaron cara ao sur.

Tan brevisima presencia, restrinxida seguramente ás áreas limítrofes, non puido deixar ningún tipo de pegada. [sublinhados meus]

Parece-me exagerada esta última afirmação, tanto mais que alguns dos resultados na área da genética parecem provar o contrário. Por outro lado, penso que não se deverá confundir a ausência de administração islâmica estável com inexistência de influência (nomeadamente genética). Isso mesmo ressalta da tabela organizada por Fabra *et al.* (1984, pp. 116-117), da qual extraio a informação, contraditória com a anterior, que essa presença terá sido importante a ponto de se realizado uma expedição (sem sucesso) para desalojar os Berberes da Galiza:

Resumen cronológico del periodo medieval a partir de 711
 713 Invasión árabe a mando de Musa
 716 Invasión árabe de Adelaziz e instalación en Galicia de los bereberes
 750 Rebelión bereber y su emigración hacia el sur
 750-4 Toda Galicia libre del poder árabe
 755 Expedición infructuosa (...) para asentar una población que sustituyera a la bereber
 768-74 Rebelión de los siervos o libertos
 838 Se refugia en Galicia el bereber Mahmud bem 'Abd al-Chabbar
 844/846/968/1014 Invasiones normandas
 997 Aceifa de Almanzor
 1032 Rebelión normanda

Não escondo também o meu choque perante a abundante referência (agora no Norte de Portugal) a escravas "mouras" (citado em Serrão e Marques, p. 324):

Em 907, Odoário Daviz deixou a sua irmã três mairias mouras (...) Mariamen, Sahema e Zafara (...)

Em 1078, Maior Mendes doou os bens ao mosteiro de Pendorada (...). Entretanto, dar-lhe-iam uma moura (...).

Outros documentos, relativos à demografia histórica, causam-me uma grande frustração: ainda segundo Fabra *et al.* (1984, p. 514), a população de Lisboa em 1762 compreendia cerca de 1/8 de galegos (~40000) e nos inícios do séc. XIX os residentes galegos em Portugal ascenderiam a 80000. Com tanta mobilidade populacional, a tarefa da reconstrução populacional através da genética parece votada ao insucesso...

Os resultados de uma expedição amadorística ao território da toponímia também me deixaram perplexo. Usando a lista de códigos postais portugueses, pesquisei os topónimos com raiz em *mour-*. A sua distribuição regional não evidencia nenhum

padrão inteligível: muito poucos a Sul e Nordeste e grande concentração em Lisboa (Fig. 1). Não tive maior sucesso com um outro ensaio, agora com *galeg-*: também aqui não emerge nenhum gradiente e os distritos de Lisboa, Leiria e Santarém (limitrofes do primeiro) concentram a maioria das ocorrências (Fig. 2).

Espero ter-vos dado uma ideia das dificuldades interpretativas com que me defronto quando tento articular as informações que colho e interpreto (provavelmente mal) em outras áreas cujos resultados são, no entanto, indispensáveis para dar sentido àqueles que obtenho na minha própria área de trabalho. Para tentar evitar que tal suceda quanto ao que vou apresentar (e que escolhi por serem, na minha opinião, os que encerram maiores dificuldades interpretativas), vou proceder a umas brevíssimas

EXPLICAÇÕES DE ESPECIALISTA

O primeiro e mais fundamental aspecto a reter é que nem todas as características genéticas humanas tem o mesmo *modo de transmissão genética*. Na Fig. 3 encontram-se esquematizados esses

modos. Nesse esquema verificamos que existe material genético (cromossomas) que é transmitido de forma igual pelos dois progenitores, enquanto que outro é dotado de transmissão assimétrica. Não se assustem demasiado com a dita figura: o que importa, para começar, é que existem marcadores genéticos que são transmitidos apenas pelo progenitor de um sexo (são denominados *uniparentais*) e que, portanto, nunca recombina. Vamos entender isso melhor com a Fig. 4, em que representamos a transmissão do material genético mitocondrial, que é exclusivamente materno. Imaginamos uma micropopulação, constituída por 6 casais fundadores. Repare-se que, após apenas 3 gerações, apenas subsistem as linhagens (femininas) de três das fundadoras: Ana, Sara e Rute. As

outras três linhagens (as de Eva, Dora e Isa) extinguíram-se. Temos assim uma visão muito enviesada da história de uma população: repare-se que a manutenção de uma linhagem feminina de geração em geração não depende do número de filhos, mas sim da existência de uma linha de descendência feminina não interrompida. Reparem que tanto Dora como Sara podem reclamar-se como sendo as ancestrais com mais descendentes na geração actual (ambas tem 7 bisnetos) mas a contribuição em termos de linhagem materna é muito assimétrica (é nula para a segunda).

Um caso semelhante se passa com o cromossoma Y (que só se transmite de e entre indivíduos masculinos). Na Fig. 5 temos um exemplo imaginário e mais radical: de quatro indivíduos masculinos fundadores, só está representada a linhagem masculina de um deles na actual geração. Se não houvesse erros de cópia (como o que terá ocorrido na transmissão para o bisneto de Jorge representado mais à esquerda), a que chamamos mutações, toda a presente geração teria um cromossoma Y idêntico.

No entanto, a maior parte das nossas características genéticas tem um comportamento de transmissão distinto: a informação existe em duplicado em cada indivíduo, qualquer que seja o sexo, e só uma das cópias (escolhida ao acaso) é transmitida a cada descendente. Esta lotaria torna-se extremamente complicada se analisarmos mais do que uma característica genética, uma vez que este sorteio executa uma recombinação das características ancestrais. Na Fig. 6, tento exemplificar isso, apenas com um par de características. Suponhamos que para cada uma delas temos quatro alternativas, num caso simbolizadas por letras (A, B, C, D) e noutra por números (1, 2, 3, 4). Os possíveis descendentes do casal imaginário apresentado podem “escolher” aleatoriamente entre as alternativas disponíveis nos progenitores, o que faz com que, mesmo considerando apenas duas características, se possam formar dezasseis tipos distintos. Mas o mais importante é reconhecermos que nestes marcadores *biparentais* não é possível estabelecer *linhagens nem masculinas nem femininas*: a transmissão zigagueia em cada geração.

Podemos, portanto, concluir que os marcadores biparentais serão de muito mais difícil análise que os uniparentais. Mas também teremos de concluir que a maior "democraticidade" da sua transmissão faz com que sejam muito menos propensos a perdas de variação genética. Ao contrário, como vimos nos exemplos anteriores, os uniparentais estão muito mais sujeitos a essas perdas casuais e consequente extinção de linhagens (o lado negro da evolução). Para além disso, estas flutuações aleatórias podem conduzir mais rapidamente a diferenças entre populações. Não causará surpresa, portanto, verificarmos que os marcadores uniparentais sejam mais apropriados ao estudo de diferenças interpopulacionais, nomeadamente baseadas na geografia.

É isso, de facto que se verifica quando comparamos as populações do Norte de Portugal e da Galiza quanto a marcadores biparentais: não existem diferenças significativas entre as frequências dos genes nas duas populações. Mostro apenas um exemplo dessa comparação sobre forma gráfica na Fig. 7. Passemos então a uma breve apresentação dos resultados obtidos quanto ao mtDNA, ou seja, quanto às

LINHAGENS FEMININAS

Dos grupos de linhagens aparentadas (haplogrupos) para os quais é possível, no momento actual e com razoável segurança, associar uma origem geográfica definida, contam-se os subsarianos (L) e os norte-africanos (U6). Felizmente, é possível associar a estas linhagens problemas histórico-demográficos muito interessantes, nomeadamente, os de saber se a barreira do estrito da Gibraltar foi importante no isolamento das populações ibéricas e norte-africanas, ou, particularmente no caso português, esclarecer se a escravatura negra teve um impacto demográfico significativo.

A Fig. 8 resume os resultados obtidos até há, aproximadamente, dois anos, que passamos a comentar.

Em primeiro lugar, não existe estruturação geográfica clara: a faixa ocidental da Península, se dividida em quatro regiões (Galiza, Norte, Centro e Sul de Portugal), não evidencia diferenças regionais globais significativas. Este facto sugere grande mobilidade inter-regional ao nível da componente genética feminina (veremos mais adiante o que se passa com o lado masculino).

Mas analisando mais pormenorizadamente esses grupos de linhagens, vemos que as linhagens a que atribuímos uma origem subsariana se encontram disseminadas por todo o ocidente da Península. Terão estas linhagens tido origem na escravatura, conforme aventámos? Quanto às linhagens de origem norte-africana, o panorama que encontrámos foi paradoxal: só as detectamos na Galiza e no Norte de Portugal. Este facto está em total oposição relativamente ao que esperávamos, se pensarmos no diferente impacto e duração da administração Islâmica na Península. Assim, duvidámos da suficiência das amostragens e alargamos o estudo. Os novos resultados (aqui apresentados a público pela primeira vez) confirmam, no essencial, o panorama inicialmente traçado e acrescentam novas informações que merecem análise.

Na Tabela 1 encontram-se resumidos os resultados obtidos. Em primeiro lugar, confirma-se a presença de linhagens subsarianas em todas as regiões portuguesas, com uma frequência geral ligeiramente superior a 6%. Mas é também notável que o aumento do esforço amostral, embora tenha revelado a presença de raras linhagens norte-africanas a sul do Douro, continua a revelar que elas são mais abundantes a Norte. Persiste, pois, a dúvida sobre a sua origem. Nesse sentido, analisámos em pormenor a

estrutura molecular dessas linhagens. O resultado dessa análise para as subsarianas encontra-se na Fig. 9, onde se mostram as relações moleculares entre essas linhagens e a respectiva localização

geográfica. Que podemos agora dizer quanto à nossa hipótese de ligar a sua introdução à escravidão moderna? É evidente que não podemos afirmá-la com certeza, mas pelo menos podemos dizer que se trata, no conjunto, de uma introdução recente (num horizonte cronológico compatível com aquele fenômeno), uma vez que essas linhagens são exemplares isolados e, no seio do seu grupo, geneticamente afastadas. Não só apenas uma das linhagens foi encontrada duas vezes (todas as outras são exemplares únicos), como não existe nenhuma sobreposição entre parentesco molecular e proximidade geográfica. Mas também é significativo que poucos exemplares possam ter um ancestral comum recente: a maioria dista entre si um grande número de passos mutacionais (por curiosidade refira-se que o ramo inferior – o subgrupo M – terá origem na região norte oriental de África). Isto indica que não

houve tempo para expansão demográfica local dessas linhagens: terão sido recolhidas em populações genética e geograficamente muito diversificadas e trazidas para a Península há relativamente pouco tempo. Quanto às norte-africanas (Fig. 10), o panorama (à

escala: o seu número e diversidade são muito menores) e idêntico (veja-se, por exemplo, a distância molecular entre as linhagens encontradas no Porto), indiciando também uma introdução histórica recente. Aventurando-me, de novo, fora da genética, diria que este padrão não é, de todo, consistente com uma introdução neolítica ou anterior, e que, pelo seu padrão, semelhante ao das linhagens subsarianas, sugere mais a esporádica reprodução de escravos do que a manutenção de um efectivo demográfico de colonizadores norte-africanos.

Mas algumas destas interpretações terão de ser contrastadas com os resultados obtidos nos marcadores transmitidos apenas pelo outro sexo. Passemos então a analisar os resultados obtidos para as

LINHAGENS MASCULINAS

A fig. 11 resume esses resultados. O facto imediatamente mais saliente – e contrastante com o que verificamos no contra-

ponto feminino – é a ausência de cromossomas Y subsarianos. Quer dizer isto que a presença de genes subsarianos nestas populações foi mediada por via (quase) exclusivamente feminina. Se a nossa hipótese de introdução (principal), a escravatura moderna, for correcta, isto implica que, enquanto que a reprodução das escravas foi permitida, terá sido pelo menos desencorajada a dos escravos masculinos.

Quanto às linhagens norte-africanas, o cenário também é praticamente oposto ao observado com as femininas: há um gradiente claro sul-norte da frequência do grupo de linhagens a que atribuímos aquela origem (24% no sul de Portugal, 16% no centro, 11% no norte e 9% na Galiza). Este gradiente está, pois, de acordo com os registos históricos sobre a importância da presença Islâmica (maior e mais duradoura a Sul que a Norte).

Mas também se revela outro facto contrastante com a distribuição das linhagens femininas: enquanto que nas primeiras havia pouca estruturação geográfica, aqui ela é significativa (por exemplo a distribuição de linhagens masculinas na Galiza é significativamente distinta da observada na amostra do centro de Portugal). Assim, podemos concluir que a mobilidade (reprodutiva) feminina, em geral, terá sido mais elevada que a masculina.

Está na hora de formular algumas

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Penso que a interacção entre especialistas de distintas áreas do saber que se procurou com a realização deste encontro não se pode resumir à (às vezes autocongratulatória) descoberta que algumas das nossas hipóteses explicativas se encaixam bem nos contextos teóricos ou factuais delineados por outras disciplinas.

Vale a pena lembrar o disse Renfrew (1998, p. 19) a este propósito:

Each discipline assumes that the other can offer conclusions based upon solid independent evidence, but in reality one begins where the other ends. They are both relying on each other to prop up their mutual thesis.

Assim, teremos de reconhecer que provavelmente serão mais produtivos resultados de uma disciplina quando entram em choque com (não são facilmente enquadráveis no) paradigma explicativo da segunda.

AGRADECIMENTOS

Para além do Conselho da Cultura Galega, Anxo Carracedo e Gerardo Pereira-Menaut, agradeço a Luisa Pereira (em particular, por ter-me permitido apresentar parte do seu trabalho –incluindo algum não publicado– sobre marcadores uniparentais), Leonor Gusmão, Cintia Alves, Carla Cunha e Maria João Prata, que são responsáveis pela produção e análise de muitos resultados que inclui.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AMORIM, A. (1999): "Archaeogenetics". *Journal of Iberian Archaeology* 1: 15-25.
- AMORIM, A., GUSMÃO, L., ALVES, C. (2001): "STR data (AmpFISTR Profiler Plus) from north Portugal". *Forensic Sci Int* 115: 119-121.
- BANDELT, H.-J., ALVES-SILVA, J., GUIMARÃES P.E.M., SANTOS, M.S., BREHM, A., PEREIRA, L., COPPA, A., LARRUGA, J.M., RENGO, C., SCOZZARI, R., TORRONI, A., PRATA, M.J., AMORIM, A., PRADO, V.F., PENNA, S.D.J. (2001): "Phylogeography of the human mitochondrial haplogroup L3e: a snapshot of African prehistory and Atlantic slave trade". *Ann. Hum. Genet.* 65: 549-563.
- FABRA et al. (1984): *Los gallegos*. Ediciones Istmo, 2ª ed.
- GUSMÃO, L., SANCHEZ-DIZ, P., ALVES, C., LAREU, M.V., CARRACEDO, A., AMORIM, A. (2000): "Genetic diversity of nine STRs in two northwest Iberian populations: Galicia and northern Portugal". *Int J Leg Med* 114: 109-113.
- LOURIDO, F.C., CARREIRA, A.L., CARBALLO, F., OBELLEIRO, L., FERNÁNDEZ, B.A. (1997): *Historia Xeral de Galicia*. Edicións A Nosa Terra.
- PEREIRA, L., MACAULAY, V., TORRONI, A., SCOZZARI, R., PRATA, M.J., AMORIM, A. (2001): "Prehistoric and historic traces in the mtDNA of Mozambique: insights into the Bantu expansions and the slave trade". *Ann. Hum. Genet.* 65: 439-458.
- PEREIRA, L., PRATA, M.J., AMORIM, A. (2000): "Diversity of mtDNA lineages in Portugal: not a genetic edge of European variation". *Ann. Hum. Genet.* 64: 491-506.
- PEREIRA, L., PRATA, M.J., BRIÓN, M., JOBLING, M.A., CARRACEDO, A., AMORIM, A. (2000): "Clinal variation of the YAP+ Y chromosome frequencies in Western Iberia". *Hum. Biol.* 72: 937-944.

- PÉREZ-LEZAUN, A., CALAFELL, F., CLARIMÓN, J., BOSCH, E., MATEU, E., GUSMÃO, L., AMORIM, A., BENCHEMSI, N., BERTRANPETIT, J. (2000): "Allele frequencies of 13 short tandem repeats in population samples from the Iberian Peninsula and Northern Africa". *Int J Leg Med* 113: 208-214.
- RENFREW, C. (1998): *Archaeology and language*. Pimlico, London.
- ROSSER, Z.H., ZERJAL, T., HURLES, M.E., ADOJAAN, M., ALAVANTIC, D., AMORIM, A., AMOS, W., ARMENTEROS, M., ARROYO, E., BARBUJANI, G., BECKMAN, G., BECKMAN, L., BERTRANPETIT, J., BOSCH, E., BRADLEY, D.G., BREDE, G., COOPER, G., CORTE-REAL, H.B., KNIJFF, P. DE, DECORTE, R., DUBROVA, Y.E., EVGRAFOV, O., GILISSEN, A., GLISIC, S., GOLGE, M., HILL, E.W., JEZIOROWSKA, A., KALAYDJIEVA, L., KAYSER, M., KIVISILD, T., KRAVCHENKO, S.A., KRUMINA, A., KUCINSKAS, V., LAVINHA, J., LIVSHITS, L.A., MALASPINA, P., MARIA, S., MCELREAVEY K., MEITINGER T.A., MIKELSAAR A.V., MITCHELL R.J., NAFA, K., NICHOLSON, J., NORBY, S., PANDYA, A., PARIK, J., PATSALIS, P.C., PEREIRA, L., PETERLIN, B., PIELBERG, G., PRATA, M.J., PREVIDERE, C., ROEWER, L., ROOTSI, S., RUBINSZTEIN, D.C., SAILLARD, J., SANTOS, F.R., STEFANESCU, G., SYKES, B.C., TOLUN, A., VILLEMS, R., TYLER-SMITH, C., JOBLING, M.A. (2000): "Y-Chromosomal Diversity in Europe Is Clinal and Influenced Primarily by Geography, Rather than by Language". *Am J Hum Genet* 67: 1526-1543.
- SERRÃO, J., MARQUES, A.H.O. (1993): *Nova História de Portugal*, II vol. Editorial Presença.